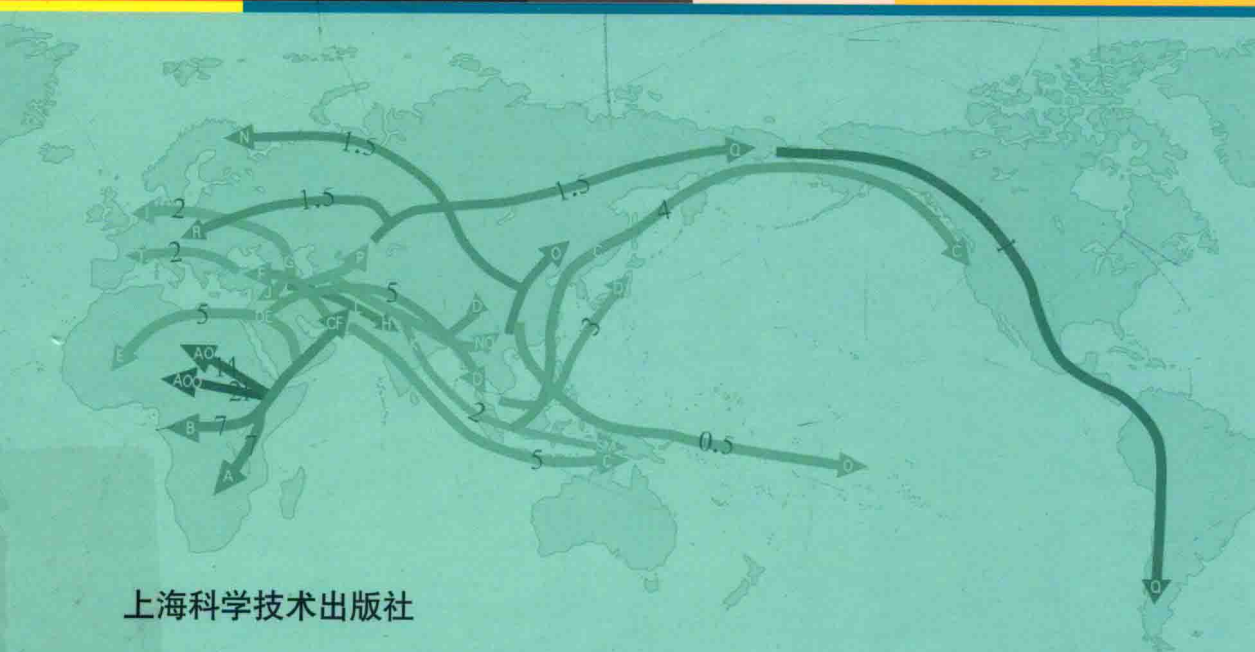




科学 专著：生命科学研究

# Y 染色体与 东亚族群演化

李辉 金力 编著



上海科学技术出版社

# Y 染色体与 东亚族群演化

李辉 金力 编著



上海科学技术出版社

Shanghai Scientific & Technical Publishers

---

图书在版编目(CIP)数据

Y染色体与东亚族群演化 / 李辉, 金力编著. —上海: 上海科学技术出版社, 2015. 10

(科学专著: 生命科学研究)

ISBN 978-7-5478-2418-4

I. ①Y… II. ①李… ②金… III. ①Y染色体—关系—民族人类学—研究—东亚 IV. ①Q982

中国版本图书馆 CIP 数据核字(2014)第 241458 号

---

本书出版受“上海科技专著出版资金”资助

审图号: GS(2015)1431 号

责任编辑: 包惠芳 张帆

文字编辑: 兰明娟

封面设计: 戚永昌

## Y染色体与东亚族群演化

李辉 金力 编著

上海世纪出版股份有限公司 出版  
上海科学技术出版社

(上海钦州南路71号 邮政编码 200235)

上海世纪出版股份有限公司发行中心发行  
200001 上海福建中路193号 www.ewen.co

上海中华商务联合印刷有限公司印刷

开本 787×1092 1/16 印张 23.75 插页 4

字数 450 千字

2015年10月第1版 2015年10月第1次印刷

ISBN 978-7-5478-2418-4/Q·29

定价: 198.00 元

---

本书如有缺页、错装或坏损等严重质量问题, 请向工厂联系调换

地图由中华地图学社提供, 地图著作权归中华地图学社所有

## 内 容 提 要

Y染色体由于其单倍体特性和群体特异性分布,成为分子人类学研究最有力的工具。利用Y染色体可以很好地解析种族的起源、民族的分化、家族的传承。本书共分7章,系统介绍了Y染色体在东亚族群演化过程的分子人类学研究中取得的进展。从Y染色体总单倍群C、D、F、K在东亚的多样性分布,可知东亚人群由不同时期到达的澳大利亚、尼格利陀、蒙古利亚、高加索4个不同种族混合而成。由单倍群O的多样性分布可知东亚的9个民族类群(汉藏、侗傣、苗瑶、南岛、孟高棉、阿尔泰、乌拉尔、叶尼塞、古亚)的分化过程和系属关系。利用高分辨率的Y染色体标记,以曹操家族作为示范,展示了Y染色体在厘清和辨析家族谱系中的强大功能,开创了历史人类学的新领域。

本书是运用遗传学手段解析东亚族群历史的第一部专著,具有开创性价值。可供人类学、人类遗传学、医学等领域的研究人员及相关领域的研究生和高年级本科生参考。

进入 21 世纪以来,中国的科学技术发展进入一个重要的跃升期。科学技术自主创新的源头,正是来自科学向未知领域推进的新发现,来自科学前沿探索的新成果。学术著作是研究成果的总结,它的价值也在于其原创性。

著书立说,乃是科学研究工作不可缺少的一个组成部分。著书立说,既是丰富人类知识宝库的需要,也是探索未知领域、开拓人类知识新疆界的需要。特别是在科学各门类的那些基本问题上,一部优秀的学术专著常常成为本学科或相关学科取得突破性进展的基石。

一个国家,一个地区,学术著作出版的水平是这个国家、这个地区科学研究水平的重要标志。科学研究具有系统性和长远性、继承性和连续性等特点,科学发现的取得需要好奇心和想象力,也需要有长期的、系统的研究成果的积累。因此,学术著作的出版也需要有长远的安排和持续的积累,来不得半点虚浮,更不能急功近利。

学术著作的出版,既是为了总结、积累,更是为了交流、传播。交流传播了,总结积累的效果和作用才能发挥出来。为了在中国传播科学而于 1915 年创办的《科学》杂志,在其自身发展的历程中,一直也在尽力促进中国学者的学术著作的出版。

几十年来,《科学》的编者和出版者,在不同的时期先后推出过好几套中国学者的科学专著。在 20 世纪三四十年代,出版有《科学丛书》;自 20 世纪 90 年代以来,又陆续推出《科学专著丛书》《科学前沿丛书》《科学前沿进展》等,形成了一个以刊物名字样科学为标识的学术专著系列。自 1995 年起,截至 2010 年“十一五”结束,在科学标识下,已出版了 25 部专著,其中有不少佳作,受到了科学界和出版界的欢迎和好评。

为了继续促进中国学者对前沿工作做有创见的系统总结，“十二五”期间，《科学》的编者和出版者决定对科学系列学术著作做新的延伸，将科学专著学术丛书扩展为三个系列品种，即《科学专著：前沿研究》《科学专著：生命科学研究》《科学专著：大科学工程》，继续为中国学者著书立说尽一份力。

随着中国科学研究向世界前列的挺进，我们相信，在科学系列的学术专著之中，一定会有更多中国学者推陈出新、标新立异的佳作问世，也一定会有传世的名著问世！

周光召

（《科学》杂志编委会主编）

2011年5月

作为一名语言学家,我当然对语言的演化深感兴趣。语言演化最宏观也最难解的问题是语言怎么涌现,因为关于这个秘密的线索,被埋藏在至少几十万年前。近年来跨学科研究虽然带来不少新知识,可是距离找出一个完整的答案揭开谜底还是极为遥远。只有人类才有语言,同时只有靠语言这样万能的思想工具,人类才可能从猿人演化到现代人。语言和人类演化这两者的关系,几乎像是鸡与蛋的循环那样密切。为了强调这个关系,有人建议把智人(*Homo sapiens*)改成说话人(*Homo loquens*)<sup>①</sup>,因为我们的智慧毕竟有限,而每个人都会说话。

要想得到语言涌现的答案,我们必须从演化的几个不同时间尺度着手<sup>②</sup>,做跨领域的研究。明代末叶的陈第,研究三千年前《诗经》的上古音系,是最早清楚地说明语言总是跟着时间与空间不断演化的学者。但是若论用科学方法来研究大批不同语言间的谱系关系,这个开端必须归功于英国的 W. Jones。两百多年前,他就设想欧洲和印度的很多语言都来自同一个源头,也就是古印欧语(Proto-Indo-European)。循着 Jones 的思路,许多语言学家陆续推论出不少和语族分类有关的研究成果。除了印欧语系,世界上目前所有的五六千种语言,很可能都归属于二三十个不同的大语系<sup>③</sup>。

世界上的这些语言,当然都是由不同族群在不同的时间发展出来的。同时他们也在不同的空间里留下生活的痕迹,如石器、陶器等。因此意大利遗传学家 L. L. Cavalli-Sforza 等建议把基因、考古及语言三种数据结合起来,彻底探究人类的演化史。虽然他们 1988 年的文章所能用到的基因材料相对有限<sup>④</sup>,可是这种跨学科的看法,是目前大家都能接受的。

其实达尔文早在 1859 年就说过,语言的谱系应当等于人群的谱系。可是他把话说得太简单了。T. Huxley 在 1865 年的一篇短文里扩充了达尔文

① Fry D. *Homo Loquens: Man as a Talking Animal*. Oxford: Cambridge University Press, 1977.

② 王士元. 语言演化的三个尺度. 科学中国人, 2013, 1: 16—20.

③ Greenberg J H. The methods and purposes of linguistic genetic classification. *Language and Linguistics*, 2001, 2: 111—135.

④ Cavalli-Sforza L L, et al. Reconstruction of human evolution: bringing together genetic, archeological and linguistic data. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 1988, 85: 6002—6006.

的说法<sup>①</sup>，指出一群人也可能改变自己的语言，而造成语言及族群两种谱系上的差别。说得更准确些，虽然传统的语言谱系树可以代表语言纵向传递的关系，可是事实上我们知道，人群接触时，语言成分的横向传递是经常有的现象。每个语言里都或多或少有借入的词汇或语法结构，这就是横向传递的结果。横向传递越多，语言谱系树所能呈现的语言关系的信息就越不周全。有时候，在人种及语言生态复杂的社会环境下，某个混合语的词汇可能绝大部分来自一种语言，而其语法结构却来自另一种语言。目前语言学家还没有找到理想的方法，能够把纵向和横向这两种传递的过程简单地整合起来。

复旦大学做这方面的研究可以说是得天独厚。现代人类学教育部重点实验室成立于 2005 年。金力教授与他 HUGO Pan-Asian SNP Consortium 的研究团队，在 2009 年的 *Science* 杂志上发表了一篇里程碑的报告<sup>②</sup>，取样了将近两千人的基因，详尽分析了整个亚洲人群的谱系。在这个基础上，李辉与金力两位教授又集中用 Y 染色体分析东亚族群的演化。

这本书写得深入浅出，就如李教授在前言里所承诺的，它会把读者带入演化历程的精彩世界。拜读这本书的当下，我已经开始享受书中精彩纷呈的世界了。特别是第 7 章，讨论语音系统的分布与人类扩张的过程，比 Q. Atkinson 发表在 *Science* 杂志里的理论更加精辟<sup>③</sup>，读后真是受益匪浅。此书材料非常丰富，让我总爱不释手地经常展读。尤其是研究民族语言或汉语方言时，这本书也是不可多得的参考书。

Y 染色体是人体细胞核内 46 条染色体的其中一条，是由父系一代一代地传递下去。可是细胞核外的线粒体 DNA，却是由母系传递的。这两种单亲传递的基因所给我们的信息是不一样的。剑桥大学的 P. Forster 跟 C. Renfrew 曾经探讨过<sup>④</sup>，由于男女不同的迁徙历史，会造成人群演化上男性和女性不同的基因结构。如果 A 族征服 B 族后，大批 A 族的军人占领了 B 族的土地，娶 B 族的女人为妻，之后这个 A、B 混合族群的 Y 染色体与线粒

① Huxley T H. On the methods and results of ethnology. *Fortnightly Review*, 1865, 1: 257 - 277.

② HUGO Pan-Asian SNP Consortium, et al. Mapping human genetic diversity in Asia. *Science*, 2009, 326: 1541 - 1545.

③ Atkinson, Quentin D. Phonemic diversity supports a serial founder effect model of language expansion from Africa. *Science*, 2011, 332: 346 - 349.

④ Forster P, Renfrew C. Mother tongue and Y chromosomes. *Science*, 2011, 333: 1390 - 1391.



体 DNA 的比率,就会大大改变,因此语言常会跟随外来的征服者或殖民统治而改变。

要认真研究此类的复杂问题,当然要留意很多相关的条件,如人口多寡、文化高低等。例如满族虽征服了汉族,可是反而失去自己的语言而绝大部分汉化了。中国悠久的历史,是由很多不同的族群或分或合而逐渐形成的,目前至少还有一百多种语言。要了解这些语言的演化,就必须参考说这些语言的族群的演化<sup>①</sup>。

总而言之,Y 染色体与东亚族群演化对研究人类演化,特别是大中华许多族群的演化,做出了意义深远的贡献。我衷心地祝贺两位作者巨大的成就,也很乐意用这篇短短的推荐序以飨读者。

“中研院”院士、美国加州大学伯克利分校研究部语言学荣休教授、

香港中文大学伟伦研究教授

王士元

2015 年 7 月于香港马鞍山

---

<sup>①</sup> Wang W S Y, Ed. The ancestry of the Chinese language. *Journal of Chinese Linguistics*, 1995. 李葆嘉,主译. 汉语的祖先. 北京: 中华书局, 2005.

## 前言

本书是一部生物人类学的研究专著,总结了20年来复旦大学人类学学科利用Y染色体基因分型研究东亚族群起源与民族演化的成果。

女娲有体,孰制匠之(《楚辞·天问》)?我们从哪里来,要到哪里去?对于人类的来历,人们孜孜不倦地问了数千年。到今天,人类起源之谜,依然是世界十大科学问题之一。

人类学追踪人类发展的历史,探索人类的未来。在这个学科的100多年发展历程中,古往今来的众多群体被记录、剖析、比较,从而归纳总结出一条条人类形体和文化变迁的路径。

与地球上的所有物种一样,人类也只有一个起源。古老的非洲大陆,是全世界人类的发源地。100多万年前,直立人走出非洲,来到欧亚大陆的各个角落。来到东亚的直立人,演化成了北京猿人。北京猿人的化石在70多年前被发现。之后的60多年中,人们一直认为东亚今天的人群是北京猿人的后代。直到1987年,夏娃学说的提出,发现现代人类是大约数万年前重新走出非洲的人种。学界开始怀疑中国人也是这个数万年前“走出非洲”人群的后代,而与50多万年前的“北京猿人”无关。1998年,复旦大学人类学组通过大规模的基因调查,终于一步步地证实了这个疑问。

复旦大学从20世纪20年代就开始开设人类学课程。当时的课程大纲中,包括“汉族的发源与迁徙”“民族之人类学基础”“中华民族的起源及其混合”等章节。这些问题在本书中的分子人类学研究中得到解答。1952年,通过院系调整,全国的生物人类学教研力量(浙江大学、暨南大学等)都集中到复旦大学,成为我国高等院校中唯一的生物人类学教学科研单位。由吴定良院士担任教研组主任的人类学组是当时生物系九个组中力量最强的,培养了大批我国急需的研究人才,输送到了中国科学院古脊椎动物与古人类研究所等科研单位,为我国人类学研究做出了卓越贡献。周恩来总理非常关心复旦大学人类学组,把它比喻成一颗珍贵的种子。这一颗种子,在中国的土壤中,经历了数十年的风风雨雨,终于成长了起来。

现代人类学教育部重点实验室于2005年年底成立,是目前我国唯一从

事分子人类学研究的实验室。实验室按照学科发展方向和国家重大需求，以“人群的遗传结构研究及其应用”为中心，旨在揭示人类进化过程中人群间和个体间的体质、生理、病理等差异及其形成机制，为疾病的发生和预防研究提供线索，为解决相关人文科学问题提供方法和工具。在金力教授的领导下，现代人类学教育部重点实验室在人类群体遗传学、体质人类学、分子流行病学等方面已达到国际前沿水平，取得了一系列重要成果，主要包括以下方面。

一、现代东亚人群的遗传结构、起源与迁徙：以往的人类迁徙图都把东亚人群的迁徙路线画成由北往南，经过我们的全面研究，全世界的人类迁徙图都把东亚部分改成了由南往北迁徙。

二、汉民族的人口扩张机制：汉族是世界上人口最多的民族，从遗传结构上看，汉族主要是人口扩张形成的，而不是在文化上对不同民族的同化。

三、亚洲古代人群的体质人类学特征：对新疆史前人群的骨骼研究发现，新疆自古是东西方人群混合的最前线。

四、流行病学研究：建立了国内大型分子流行病学研究队列和技术平台，不断收集和分析群体生理病理差异数据，开创医学人类学的新天地。现代人类学教育部重点实验室长期承担着国家重要的科研项目及国际合作项目，已成为在国内外学术界具有重要影响力的人类学研究基地。在国际基因地理人类迁徙研究计划中，本实验室是该项目全球十个中心实验室之一：东亚-东南亚中心。多年来，研究成果不断在 *Science*、*Nature*、*NEJM*、*JCI*、*AJHG* 等国际著名期刊上发表。

人类学的研究，走过了体质测量的时代，经历了分子人类学的阶段，正在谱写基因组人类学的新篇章。经过不断努力，人体和人群的一个个奥秘，终将被陆续解开！就让本书带你进入一个透过微观的 Y 染色体 DNA 分子窥见宏观的东亚族群演化历程的精彩世界吧。

李 辉

2015 年 1 月

第 1 章 分子人类学与东亚人类历史 .....	1
1.1 写在基因中的历史 .....	2
1.2 分子人类学与中华民族的起源 .....	13
1.3 Y 染色体上的自然选择 .....	25
第 2 章 Y 染色体与种族起源 .....	34
2.1 东亚现代人起源于非洲 .....	35
2.2 用遗传学数据重构人类进化谱系 .....	39
2.3 末次冰期东亚人群由南到北的迁徙 .....	51
2.4 从 Y 染色体看东亚人群的演变 .....	59
2.5 空间分析揭示的中国人群父系和母系遗传结构的差异 .....	72
第 3 章 汉藏族群的 Y 染色体 .....	88
3.1 单倍群 O3 的南方起源 .....	90
3.2 汉文化的扩散源于人口扩张 .....	103
3.3 平话群体是汉族一致性遗传结构的例外 .....	109
3.4 藏族人群的双重起源 .....	122
3.5 藏缅群体南迁过程的性别差异混合 .....	124
3.6 汉藏群体进入喜马拉雅东部的两条迁徙路线 .....	139
3.7 摩梭人的遗传起源 .....	152
第 4 章 南方原住民族的 Y 染色体 .....	166
4.1 苗瑶与孟高棉人群的遗传同源 .....	168
4.2 波利尼西亚人群的起源 .....	183
4.3 南岛西群和侗傣人群的紧密父系遗传关系 .....	190
4.4 长江沿岸史前人群的 Y 染色体 .....	207
4.5 海南原住民父系遗传结构 .....	213
4.6 海南岛卡岱语群体仡隆人的遗传起源 .....	221
4.7 海南岛的占城回辉人世系被本土成分替换 .....	233
第 5 章 北方原住民族的 Y 染色体 .....	243
5.1 中国西北人群的父系遗传结构 .....	244
5.2 阿尔泰语人群没有共同起源 .....	265
5.3 日本列岛人类遗传多样性分布 .....	274
第 6 章 Y 染色体与家族传承 .....	287
6.1 Y 染色体与姓氏 .....	288
6.2 现代 Y 染色体揭示曹操的身世 .....	298
6.3 曹操叔祖的古 DNA 结果与曹操后世子孙相符 .....	303

6.4 鄱阳操姓血缘上并非出自曹操 .....	305
6.5 赛典赤·瞻思丁和郑和的波斯祖源 .....	309
<b>第7章 Y染色体与相关学科发展 .....</b>	<b>312</b>
7.1 东亚人群中 AZFc 部分缺失并不提高精子发生障碍风险 .....	313
7.2 AZFc 部分缺失可诱发全缺失导致男性不育 .....	324
7.3 世界语音多样性分布格局与人类扩张 .....	338
7.4 古 DNA 分析技术发展的三次革命 .....	347
<b>索引 .....</b>	<b>358</b>
<b>后记 .....</b>	<b>362</b>

## 第 1 章 分子人类学与东亚人类历史

分子人类学是一门自然科学和社会科学的交叉学科,主要由遗传学、计算生物学、解剖学、历史学、考古学、民族学、语言学和地理学交叉形成。遗传学是一门自然科学,它不同于人文科学研究,因为自然科学的研究方法是假设驱动。研究者先根据相关背景资料做出假设,然后相应地设计实验,通过实验得出数据,并对这些数据进行分析,从而回答和检验原先的假设。这是自然科学的思维方式。在分子人类学的研究过程中所做的假设,是从人文科学特别是历史学那里找来的根据,但是,一旦假设提出,后面的研究过程实际上不受其他学科的影响,而是遵循遗传学研究自身的路径和规律。结果得出之后,又必须回到原来的相关学科去检验。所以,遗传学仅仅是分子人类学的一个工具。这样一个工具应用于历史研究,就形成了历史人类学,这对于历史研究有很大的作用。

分子人类学研究的材料是人类基因组。人类基因组由细胞核中的染色体和细胞质中的线粒体 DNA 组成,其物质基础是 DNA 大分子。DNA 由于复制错误,在传代过程中会积累突变。突变主要有单核苷酸多态(SNP)、短串联重复(STR)和拷贝数差异(CNV)等类型。由于遗传漂变、瓶颈效应或者自然选择的作用,突变类型在群体之间会形成一定比例的差异。分子人类学就是用基因组分析人群之间差异来研究人类演化历史的学科。

Y 染色体是纯父系遗传的单倍遗传物质,总是由父亲传给儿子,世代相传,在群体间差异最显著,可以很好地追溯人群父系源流,所以被广泛应用于群体遗传结构研究。Y 染色体作为分子人类学的一大利器,其本身的特性需要详细地分析,以确保它被用于分子人类学时的可信度。我们对反映群体历史和遗传的 Y 染色体证据的解读大多基于下述假设,即 Y 染色体男性特有区段上的标记位点不受自然选择作用。然而,Y 染色体的多样性较低,因此很有可能受到自然选择的作用,对于这一问题学界争议了 30 年之久。近年来,不断发展的测序技术为解析上述问题提供了很大帮助。Y 染色体上的 X 染色体退化基因广泛受到净化选择作用,而扩增区域与睾丸发育相关的基因在进化历程中可能受到正选择影响。这些新发现提示在应用 Y 染色体进行群体遗传分析时,要注意把可能的自然选择作用也考虑在内。

从 Y 染色体看,中华民族在三四万年前起源于东亚南方,从布拉马普特拉河与澜沧

江之间进入东亚,大致分两条路线向北扩散,在不同区域演化成不同的文化族群,其后又渐渐融合成一个整体。

## 1.1 写在基因中的历史

### 1.1.1 研究人类历史的窗口

有关曹操墓真伪的学术争论的出现,使得生命科学的研究者与历史学者有了深入的交流。本节试图从历史学的视角,讨论遗传学与历史学是如何交汇在一起的。

研究人类历史,最主要的窗口是史籍。史籍记载的是曾经发生过的事件。同历史学相关的还有考古学。考古学研究什么?考古现场有一个墓或一个遗址,是人类活动留下的痕迹。这些痕迹是发生过的事件及其时间、地点、人物所留下的实物证据。通过史籍记载下来的历史事件在今天已无法目验,而考古则让我们回到过去,触摸到那些过去遗留下来的实景实迹。

现在,我们再增加一个考察坐标,那就是基因。实际上,基因虽然不能告诉我们历史事件中的时间、地点和人物,但它可以告诉我们人群间或者人物间的关系。比如,任何两个人之间的生物学关系究竟如何,借助遗传学分析就可以推测;又比如,现在的汉族和藏族两群人之间的关系如何,也可以通过遗传学进行分析和推测。所以,基因研究可以把人们关联在一起。如果说史籍上记载的是一个一个的点,考古也是研究一个一个的点,通过史籍记载,我们可以把这一个个点连在一起,那么,基因研究对于历史研究的贡献,也在于它能把一个个点上的人关联起来。这使我们看到了历史学、考古学和基因研究相互融合、相互交叉的可能。

如果我们试图推测历史上曾经发生过什么,我们主要依靠的是寻找历史的痕迹。这些痕迹可以从多个学科去分析,如历史学、历史语言学、考古学甚至古生物学,还有人类

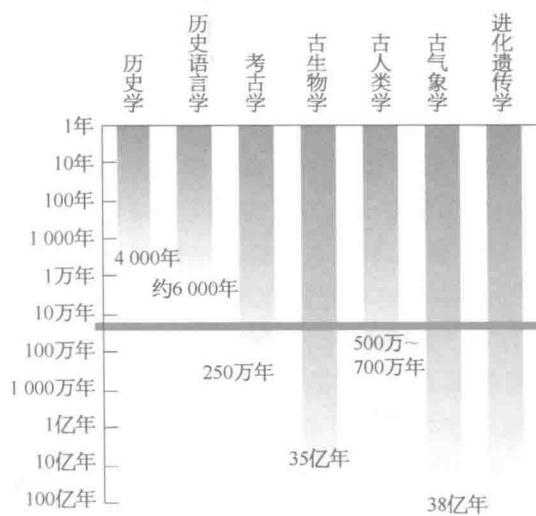


图 1-1 各个学科对历史探索的深度

学、气象学、进化遗传学等。但是这些学科告诉我们的时间深度是不一样的(图 1-1)。比如,历史学可以使我们上溯到 4 000 年前,这已经上溯推衍得很远了,像甲骨文就是上溯推衍到 3 000 年之前。历史语言学则通过语言的比较,了解语言是如何进化、怎样分化的,最多的年限可上推到 6 000 年前,如果要推到 1 万年前,则要借助一些猜测了。考古学因为有实物保存,从现在的学科发展来看,至少可以追溯到 250 万年之前。而古生物学、古人类学和进化遗传学可以推得更远,因为人类和黑猩猩作为两个物种在进化上分离是在距今 500 万~

700 万年。历史可以通过史籍研究去推测、了解，但史前史一直是遗传学和考古学的强项，尤其是遗传学，因为它基本上在推测史籍上没有记载的东西。

所以，当历史学和遗传学交汇的时候，遗传学增加了时间的深度。当然，遗传学和历史学最大的差别在于，遗传学是真实的。你可以到处说你是某位历史名人的后代，而遗传学只要获得了那位名人的 DNA 信息，就可以准确无误地告诉你：你究竟是不是他的后代。遗传学或者分子人类学可以做什么？在笔者看来，它是连接史籍、考古、家谱等的桥梁，其中家谱实际上也是一种历史记载。

从遗传学角度如何看人类历史？简单地说，只有两件事情：人类是如何起源的，然后又是如何迁徙分化的。也可以用两个字来概括，即源和流。遗传学相比考古学、历史学有很大的优势，它的研究对象主要是活着的人。通过研究现代人群的遗传结构去分析、推测人群的进化史。如果结果能同历史事件联系在一起，就可以不叫进化史，而叫人类史。

现在，我们会把分子人类学和遗传学两个名词交互使用，因为当遗传学应用到人类历史研究时，我们把它叫作分子人类学。

遗传学家眼中的人类迁徙史是怎样的呢？它会告诉我们，人类起源于非洲，然后迁徙到世界各地，人类迁徙时间与冰川期的气候相关(图 1-2)。最近，美国《科学》杂志发表了两篇文章，作者通过对现代人和尼安德特人的比较，认为人类的祖先和尼安德特人的祖先在基因上有一些交流，但是尼安德特人对于现代人类的基因贡献是微乎其微的<sup>[1]</sup>。而现代人类的祖先起源于东非，受到了气候波动、环境变迁的驱使，迁徙到世界各地。人类祖先走出非洲基本上分两步：第一步，部分人走出了非洲，到了中东；第二步，中东的群体开始分化成两支，一支沿着印度洋沿岸往东，另一支往北往西迁徙。往东迁徙的成为现代亚洲人的祖先，往西迁徙的则成了现代欧洲人的祖先。于是，我们现在可以看到世界上有黄种人、白种人的差别。

人群迁徙后会发生什么？由于史前人类很少，迁徙出去的人群因为缺乏通信技术，所以就与原来的人群失去了联系。于是他们在信息上没法沟通，在遗传上也没法交流(遗传上有交流的两个种群必须在一起)。这样的地理分散造成了种群的遗传隔离。长时间隔离，导致种群开始分化，从而变得不一样。这种不一样包括种群特有的生物学以及非生物学特征，非生物学特征也叫作文化特征。研究种群分化的动力、过程和结果的学科叫作人类学，注重生物学特征的叫作生物人类学，注重文化特征的叫作文化人类学。

种群的生物学特征是什么呢？例如，遗传学的特征，可以通过基因分析得到；体质形态的特征，即外形长相的差异，比如肤色，至少黑人和白人一眼看上去就不一样；疾病的特征，即不同的人群常患的病不一样。一些非生物学特征则包括社会文化特征、语言特征、宗教特征等，后来还多了一种民族特征。

这些特征为我们提供了分析的途径。种群分隔的时间越短，相似性就越大；分隔的时间越长，相似性就越小。当然这里面有一个隐含的假设，就是种群分离后不交流。我



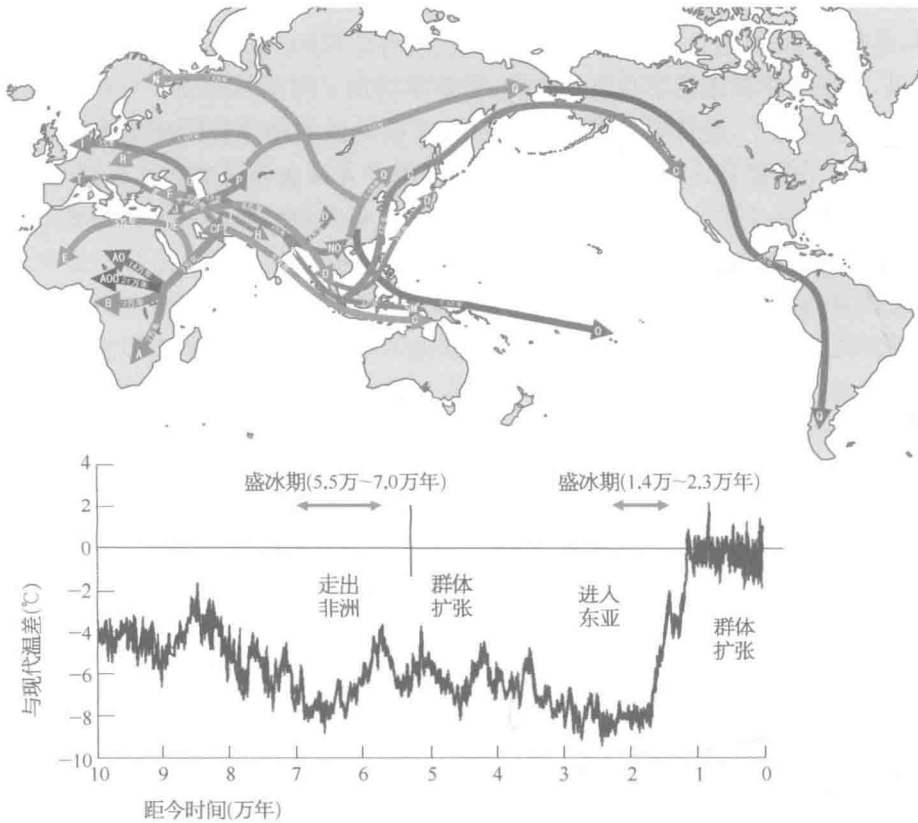


图 1-2 Y 染色体各个主干单倍群的起源和迁徙(数据来自南极洲 Vostoc 冰核)

们可以因此去度量人群之间的关系,包括他们的生物学特征关系,以及非生物学特征关系。因为分隔时间的长短,导致他们分化特征的相似性不一样。就研究不同人群随移动而发生的分化与融合过程而言,最需要追寻的一种可以直接度量,并且可以很精确地加以度量的特征关系,就是遗传上的相似性。

所以,我们尝试通过度量人群间的遗传关系去度量人群间的关系。这样,我们就等于找到了一把尺子。如果说遗传学和人文学科有交融的机会,无非就是说,我们可以把遗传学作为一个很好的测量工具,用来度量人群间的关系。

### 1.1.2 为什么可以借助遗传学进行分析

生物学可以这么简单地概述:人的细胞有细胞核,细胞核里有 23 对染色体,把染色体拉长之后,就能看到 DNA,它是一个双螺旋结构。DNA 上面有基因,基因能对蛋白质进行编码,表明蛋白质是怎样合成的,蛋白质合成之后就执行某种功能,这些功能的组合就是我们的生物体(图 1-3)。

DNA 的双螺旋结构由很多单位构成,这些单位叫作碱基对。碱基一共有 4 种,分别